

ICS 13

Z 53

团 体 标 准

T/ACEF □□□—20□□

面向河流健康的微生物完整性评价 技术指南

Technical guidelines for river health evaluation based on microbial integrity

(征求意见稿)

XXXX - XX - XX 发布

XXXX - XX - XX 实施

中华环保联合会 发布

目 次

前 言	II
引 言	III
1 范围	1
2 规范性引用文件	1
3 术语和定义	1
4 基本原则	2
5 工作流程	2
6 评价技术构建	3
7 评价技术应用	10
附录 A（规范性）河流微生物信息记录表	12
附录 B（资料性）河流微生物完整性指数候选指标库	14
附录 C（资料性）微生物参考数据库	18

前 言

本文件按照 GB/T 1.1-2020 《标准化工作导则 第 1 部分：标准化文件的结构和起草规则》的规定起草。

请注意本文件的某些内容可能涉及专利。本文件的发布机构不承担识别专利的责任。

本文件由中华环保联合会提出并归口。

本文件编制单位：

本文件主要起草人：

引 言

为更好地指导各地开展河流健康评价，对标对表开展河流系统治理保护，推动河长制管理工作，根据中共中央办公厅、国务院办公厅印发《关于全面推行河长制的意见》等政策法规，针对已有的河流生态健康评价系统面临指标繁多、历史数据缺失、指标权重单一固定、评价流程复杂、人力物力费用巨大、等问题，结合微生物指标的环境高敏感型、样品易获取性、数据高通量性等优势，开发基于微生物完整性指数的河流健康评价技术指南，旨在进一步发展和完善水生态健康评价系统，更有效地应用于水生态系统的保护和修复工作。

面向河流健康的微生物完整性评价技术指南

1 范围

本文件提出了河流微生物完整性指数的术语和定义、评价对象、评价指标、评价方法等内容。
本文件适用于河流水生态系统的健康评价，其他类型生态系统可作参考。

2 规范性引用文件

下列文件中的内容通过文中的规范性引用而构成本文件必不可少的条款。其中，注日期的引用文件，仅该日期对应的版本适用于本文件；不注日期的引用文件，其最新版本（包括所有的修改单）适用于本文件。

GB 3838	地表水环境质量标准
GB/T 40226	环境微生物宏基因组检测 高通量测序法
GB/T 42753	实时荧光定量PCR仪性能评价通则
HJ 710.8	生物多样性观测技术导则 淡水底栖大型无脊椎动物
HJ 1295	水生态监测技术指南 河流水生生物监测与评价（试行）
SL 219	水环境监测规范
SL/T 793	河湖健康评估技术导则
SZTT/SZGIA 1.3-2017	基于高通量测序的环境微生物检测 第3部分：人粪便微生物16S rRNA基因检测法
T/AHEPI 02-2020	环境微生物抗生素抗性基因检测 高通量荧光定量PCR法

3 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

3.1

河流健康 river health

河流生态状况良好，且具有可持续的社会服务功能。河流生态状况包括河流物理、化学和生物状况，用完整性表述良好状况；可持续的社会服务功能是指河流在具有良好的生态状况基础上，具有可持续为人类社会提供服务的能力。

3.2

河流健康评价 river health evaluation

对河流生态系统状况与社会服务功能以及二者相互协调性的评价。

3.3

微生物 microbes

指细菌、放线菌、真菌等。

3.4

生物膜 biofilm

细菌粘附于接触表面，分泌多糖基质、纤维蛋白、脂质蛋白等，将其自身包绕其中而形成的微生物群落聚集膜样物。

3.5

微生物完整性指数 microbial integrity index

对人类活动干扰引起的微生物完整性变化敏感的多个微生物指标或参数的综合指数，用于描述生态系统的微生物群落完整性状况。

3.6

参考状态 Reference condition

区域内某一类型水体中，未受或几乎未受人类活动干扰的状态，或现有最优状态，或历史数据所代表的状态，或修复后期望达到的状态，用于评估区域内同一类型其它水体的生态状态。

3.7

健康等级划分 health gradation

河流健康状态的分级表达。

3.8

相对丰度 relative abundance

某一特定种类微生物在环境微生物群落中所占的相对比例。

4 基本原则

4.1 科学性原则

宜客观、可靠地描述河流健康状况：

- a) 评价指标设置应合理，清晰指示河流健康-环境压力的响应关系，准确揭示河流健康受损状况。
- b) 评价方法、程序需正确，基础数据来源需客观、真实，反映真实河流健康状况。

4.2 实用性原则

评价指标体系需符合我国的国情、水情与河流管理实际。

4.3 可操作性原则

评价所需基础数据需根据人力、资金等条件，选择易获取、可监测的方法获得。

5 工作流程

5.1 总则

基于微生物完整性指数的河流健康评价包括两个环节,前期的评价技术构建和后期的评价技术应用。按图1所示工作流程进行。

5.2 评价技术构建

评价技术构建流程包括但不限于构建准备、调查监测、构建流程和技术体系。

- 构建准备。初步收集河流资料数据,提出技术构建工作大纲与技术细则,形成调查监测方案。
- 调查监测。组织开展河流微生物调查检测和河流生态环境综合调查监测。
- 构建流程。系统整理分析调查监测数据,确定参考点,构建候选微生物指标库,筛选核心微生物指标,计算微生物指标权重,指标赋分,计算微生物完整性指数,划分健康等级,微生物完整性指数可靠性验证。
- 技术体系。本文件的河流健康评价技术体系涉及核心指标、指标权重、指数等级标准。

5.3 评价技术应用

评价技术应用流程包括但不限于技术准备、调查检测和报告编制。

- 技术准备。根据本文件确定的微生物指标,提出评价指标专项调查监测方案和技术细则,形成基于微生物完整性指数的河流健康评价工作大纲。
- 调查检测。组织开展河流微生物专项调查检测。
- 报告编制。系统整理分析各微生物评价指标检测数据,根据本技术指南计算微生物完整性指数赋分,评价河流健康状况,编制河流健康评价报告。

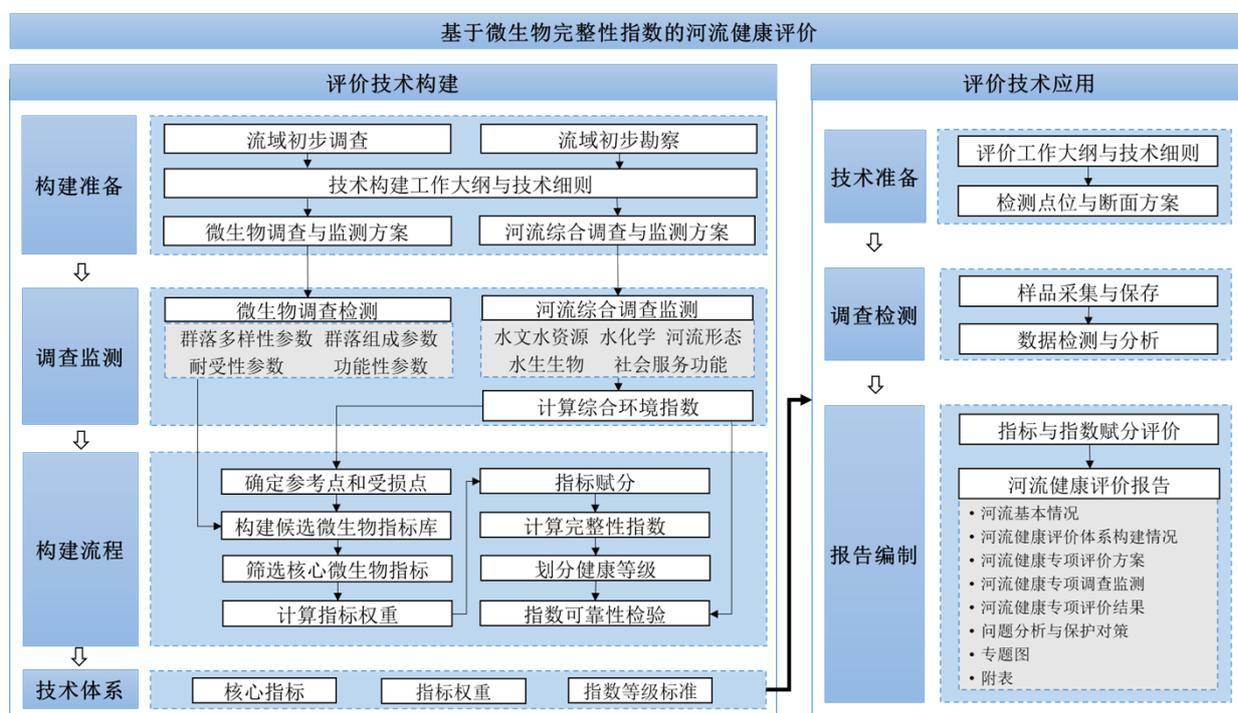


图1 河流微生物完整性指数评价工作流程图

6 评价技术构建

6.1 调查方案

6.1.1 河岸带范围

河岸带范围按照SL/T 793描述的规范确定。具体可参考图2。

6.1.2 河流分段与监测点位

6.1.2.1 评价河段

应根据河流水文特征、河床及河滨带形态、水质状况、水生生物特征以及流域经济社会发展特征，沿河流纵向将评价河流分为若干评价河段。每条河流设置的评价河段数量不宜低于3段。大江大河在水文特征、河床及河滨带形态、水质等变化不明显的河段，评价河段长度可适当增大。

评价河段类型应按下列方法确定：

- a) 按河型分类分段，分为顺直型、弯曲线、分叉型、游荡型河段；
- b) 按地形地貌分段，分为山区（包括高原）河段和平原河段；
- c) 河流流域水文分区，如河流上游、中游、下游等；
- d) 水文及水力学状况变异点，如闸坝、大的支流汇入断面、大的支流分叉点等；
- e) 河岸邻近陆域土地利用状况差异分区，如城市河段、乡村河段等。

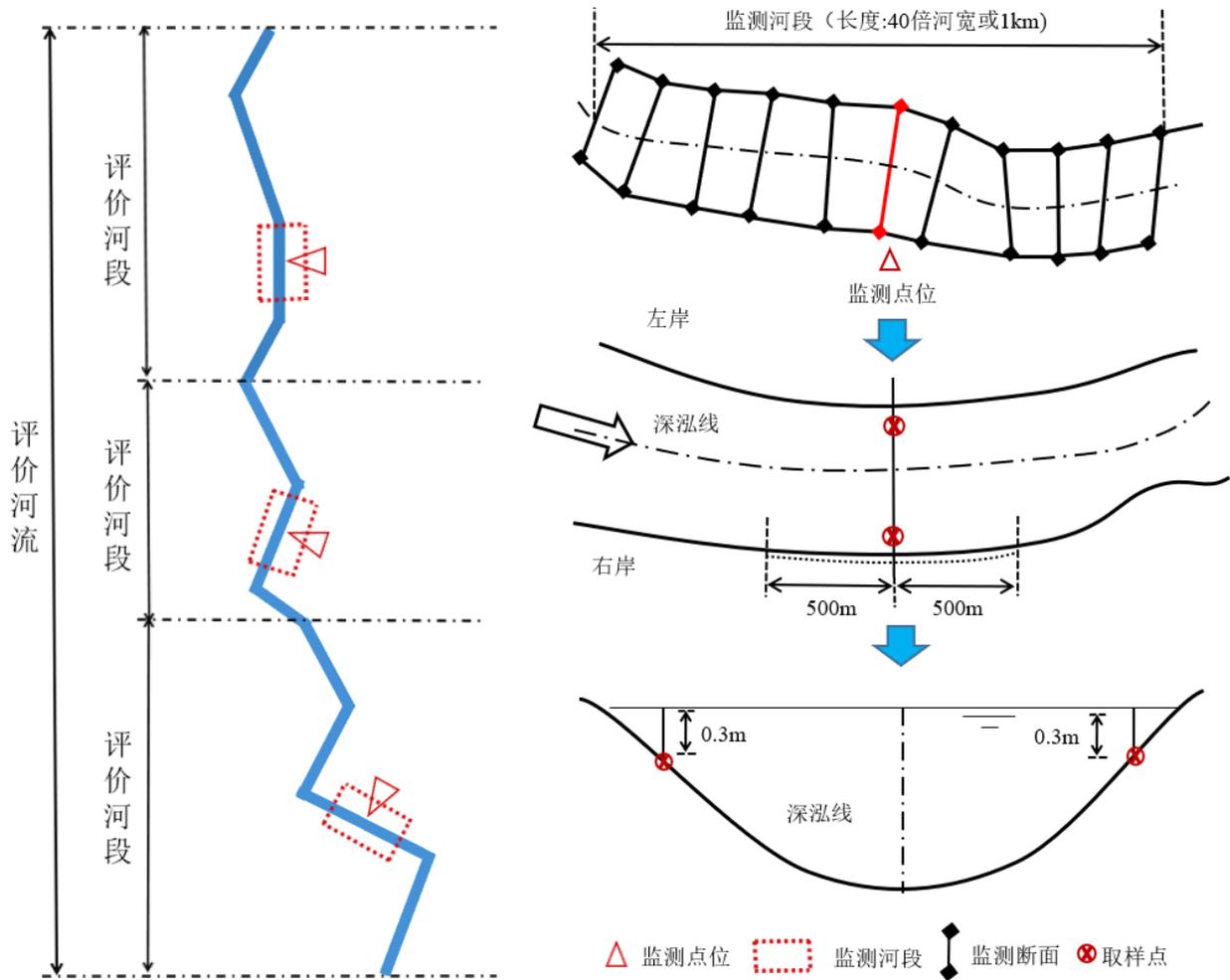


图2 河流健康评价分段示意图

6.1.2.2 监测河段

每个评价河段内可根据评价指标特点设置1个或多个监测河段。监测河段设置应符合水文及水质监测规范要求，优先选择现有常规水文站及水质监测河段。同时综合考虑代表性、监测便利性和取样监测安全保障等确定多个备选监测河段，可结合现场勘察，最终确定合适的监测河段。

监测河段的范围长度方面，应根据评价指标特点设置监测河段，监测河段范围采用固定长度方法或河道水面宽度倍数法确定，监测河段长度建议如下：

a) 深泓水深小于5 m的河流（小河），监测河段长度可采用河道水面宽度倍数法确定，其长度为40倍水面宽度，最大长度宜不超过1 km；

b) 深泓水深不小于5 m的河流（大河）采用固定长度法，建议长度为1 km。

6.1.2.3 监测断面

每个监测河段内可设置若干监测断面。监测断面应按下列要求确定：

a) 深泓水深小于5 m的小河，监测断面可根据深泓线设置，参考监测断面间距可为4倍河宽；

b) 深泓水深不小于5 m的大河，监测断面可根据河岸线设置，参考监测断面间距可为50 m；根据现场考察，分析断面设置的合理性，可根据取样的便利性适当调整监测断面位置。

6.1.3 取样点位

每个监测断面内可设置2个或多个取样点位。根据现场考察，分析点位设置的合理性，可根据取样的便利性适当调整监测点位位置。对于小型可涉水河流，一般情况下河流微生物的取样点位设置与底栖动物及常规理化监测采样点位应保持一致。对于大型不可涉水河流，选择0.3 m等深线附近的河边作为生物膜样品采集区域。若采集现场无可用基质或出于安全考虑无法完成采集时，可对个别采样点位位置进行修改。

6.1.4 监测频率

若考虑河流生物膜微生物的季节变异性，采样频率应该至少每3个月一次，每年的监测次数不少于4次。若考虑微生物夏季快速增长性、代表性及河流间的可对比性，可在每年夏季6-8月份的固定时间和点位采集样品至少一次。采样时，综合河流水体稳定性、气候等特点，避免极端天气或者突发事件等外部影响因素带来的误差。监测项目、频次及取样监测分析应符合SL 219的规定。

6.2 生物膜微生物采集与检测

6.2.1 样品采集

河流微生物以生物膜微生物为主，采集使用天然基质法采集。采集所有生境（浅滩、急流、浅池、近岸区域）不同基质上的生物膜微生物样品，将所有样品混合装入样品瓶中，贴上临时标签。不同类型基质的生物膜微生物采集方法见表1。

若基质无法从水体取出，使用刀片或镊子刮取基质表面5 cm×5 cm的面积，用蒸馏水或纯净水冲刷刀片或镊子，收集冲洗混合物进样品瓶。若样点内无硬基质，则使用注射器（或吸管）吸取25 cm²的松散基质，如：细砂、淤泥及黏土等，收集至样品瓶中。此外，也可将培养皿压入松散基质中，并在其下方滑动抹刀，将采集到的松散基质从培养皿中取出，收集至样品瓶中。若样点为硬质底质或细砾石，可在采样点上下游5 m范围内寻找合适的基质取样或选择墩、码头等代替。出于安全考虑无法完成采集的样点，可放弃该样点的生物膜微生物采集，并在生物膜微生物现场采样记录表中做好记录。

采集的水样需要进行膜过滤，样品最后一次过滤后的滤膜应放置于无菌容器，并将无菌容器立即置于干冰或-80℃进行保存。若不能即刻转移，可暂存于≤4℃条件下（如冰盒），30 min内应转移至干冰或-80℃保存。

应在干冰条件下进行运输。保存及运输过程中应避免反复冻融。如常温保存或运输,宜将样品浸润于稳定剂中。

表1 生物膜微生物采集技术

基质类型	采集技术
砂砾、卵石、圆石及树木残骸	将基质从水中缓慢移出,将表面较为光滑和略带绿色、蓝绿色或棕黄色的部分用牙刷或小刀刮取到样品瓶中
苔藓、大型藻类、维管植物及根块	刮取表面滑腻的部分放入样品瓶
大块岩石、河床岩石、原木及树木	将一端带有胶圈的PVC管固定在基质上,使其紧密相接。用牙刷或刮刀将基质上的藻类直接刮下,放入样品瓶中
沙子、淤泥和黏土等松散基质	用培养皿压入松散基质中,并在其下方滑动抹刀,将培养皿中采集到的松散基质放入样品瓶中

6.2.2 样品检测与数据获取

根据候选微生物指标库所需数据类型,河流生物膜微生物的监测主要包括物种的识别与鉴定、功能型微生物划分和微生物的环境功能能力测定三方面的工作。按照GB/T 40226的方法进行物种的识别与鉴定,参照《常见细菌和古菌系统分类鉴定手册》(东秀珠等编著,北京:科学出版社,2023)进行功能型微生物划分,按照GB/T 42753的方法对微生物驱动的物质转化能力进行定量测量,见表2。数据处理过程中可参考附录C的相关数据库。

物种鉴定应基于统一的检测方法和分类资料数据库进行,命名需要与环境监测部门发布的物种名录或物种多样性数据库名称相吻合,必要时应请专家对命名进行核定。有疑问或不确定的物种,需要请分类学专家对该物种进行确认。新种、新记录种必须留出典型、完好的样品制作标本,永久保存,并请分类学专家进行确认。

详细记录样品信息(名称、属性、固定剂情况等)、方法依据及关键技术参数(包括样品体积、浓缩或稀释情况、取样体积、镜检范围等)、物种名录(中文名和拉丁名)、数量和生物量以及结果计算方法等信息,同时对抽检、比对情况以及存疑的物种分类结果予以标记。另外,数据记录表须有记录人、校对人对人签字。

表2 微生物完整性的监测项目与方法

监测工作类别	目的	监测方法 (国家、行业、团体标准及其他)
物种的识别与鉴定	对不同分类等级(门、纲、目、科、属、种)的微生物种类和数量进行鉴定	GB/T 40226-2021 T/SZGIA 1.3-2017 等
功能型微生物划分	识别微生物的耐受功能类别以及环境功能类别	资料查阅、专家咨询及参考数据库

环境功能能力测定	对微生物参与生物地球化学循环的能力进行定量测量	GB/T 42753-2023 T/AHEPI 02-2020 等
----------	-------------------------	---

6.3 构建流程

6.3.1 确定参考点和受损点

参考点理想状态是基于评价区环境污染或生态破坏行为发生前的历史数据作为参考,当缺乏评价区的历史数据或历史数据不满足要求时,也可以是河流中未受人类活动影响或仅受到轻微影响的区域。具体的选取方法可以参考下述的确定方法:

a) 历史数据。优先利用评价区环境污染或生态破坏行为发生前的历史数据确定参考点。可以利用评价区以往开展的常规监测、专项调查、学术研究等历史数据。对搜集的历史资料,应注明资料来源和时间,使用的资料应经过筛选和甄别。历史数据应对评价区具有较好的时间和空间代表性,且历史数据的采样、检测等数据收集方法与现状调查数据具有可比性。

b) 对照数据。当缺乏评价区的历史数据或历史数据不满足要求时,可以利用未受环境污染或生态破坏行为影响的“对照区域”的历史或现状数据确定参考点。对照区域数据应具有较好的时间和空间代表性,且其数据收集方法应与评价区具有可比性,并遵守本文件的质量保证规定,样本数(点位数量或采样次数)不少于5个。应对“对照区域”数据的变异性进行统计描述,识别数据中的极值或异常值并分析其原因确定是否剔除极值或异常值。

c) 参考基准。当利用历史数据或对照数据确定参考点不可行时,可参考适用的国家或地方环境质量标准或环境基准确定参考点,水环境质量遵守GB 3838的规定确定,按照HJ 1295、HJ 710.8中规定的方法进行水生生物监测;当标准和基准同时存在时,优先使用环境质量标准;当缺乏适用的标准或基准时,可参考国外政府部门或国际组织发布的相关标准或基准。

d) 专项研究。必要时依据SL/T 793开展河流健康综合评价研究,以评价分级中“非常健康”且赋分范围为90-100的河段作为参考点。

6.3.2 构建候选微生物指标库

候选指标库中指标包括微生物群落的多样性、物种组成、耐受性和生态功能等四类特征参数。河流常见微生物完整性指数备选指标表见附录B。

6.3.3 筛选核心微生物指标

核心指标应在区域内普遍存在,在参考点和受损点之间有判别能力,并且指标之间相互独立。核心指标的筛选检验包括:

a) 范围分布检验: 检验候选参数指标库中的各个指标在不同样点的存在和可用性情况,当指标在所有样点中存在且可用,即分布率100%,指标则保留,为下一步分析准备。对部分稀缺指标,根据专业知识和评价指标的意义确定,可适当降低标准,推荐分布率取值70%-80%。

b) 判别能力检验: 将a)保留的数据进行正态分布检验。对于服从正态分布的数据,使用参数检验方法比较指标在参考点和受损点之间的差异性;对于不服从正态分布的数据,使用非参数检验方法比较指标在参考点和受损点之间的差异性;保留具有显著差异的指标($p < 0.05$),结合箱体图法来检验参数的敏感性,分别比较参考点和受损点的备选参数箱体IQ(25%分位数至75%分位数之间)的重叠程度,删除箱体重叠比较多的候选参数指标,保留没有箱体重叠或者箱体重叠比较少的候选指标,为下一步分析准备。

c) 独立性检验: 将b) 保留的指标进行相关性分析, 如果指标服从正态性, 可用Pearson相关系数查看指标间关系情况; 反之, 如果指标不服从正态性, 则使用Spearman相关系数查看指标间关系情况。若相关系数 $r < 0.7$, 则说明两个指标相关性不强, 两个参数代表的信息比较独立, 通过检验指标保留。若 $r > 0.7$, 则说明两个参数相关性较好, 若两个参数同时被保留, 则代表的生物信息类似, 影响最终完整性指数评价的准确性, 根据专业知识和评价指标的意义剔除其中之一即可。

d) 变异度检验: 将c) 保留的指标进行变异度分析, 保留变异度较小的参数作为构建微生物完整性指数的核心指标。

e) 专项筛选: 如果d) 中保留的核心指标数量过多, 可以进一步开展专家咨询、文献调查以及进行相关的微生物生态信息学分析等工作, 进行进一步的筛选。

6.3.4 权重计算

核心指标的权重计算采用客观赋权法中的标准离差法, 标准离差法是基于核心指标间的对比强度和核心指标间的冲突性综合评判核心指标的权重。对比强度大小通过标准差表现, 即标准差越大表示该指标在各方案中取值差距越大, 则对比强度越大, 而在对比强度一定的情况下, 指标之间的冲突性越大, 则权重越大, 计算如下:

a) 数据标准化。将第j个采样点和第i个指标进行数据标准化,

$$y_{ij} = \frac{(x_{ij} - \min x_{ij})}{(\max x_{ij} - \min x_{ij})} \quad (1)$$

式中:

y_{ij} ——标准化处理后的数值;

x_{ij} ——指标的监测值。

b) 相关系数矩阵。

$$r_{ij} = \frac{\sum(x_{ij} - \bar{x}_{ij})(y_{ij} - \bar{y}_{ij})}{\sqrt{\sum(x_{ij} - \bar{x}_{ij})^2 \sum(y_{ij} - \bar{y}_{ij})^2}} \quad (2)$$

式中:

\bar{x}_{ij} —— x_{ij} 的平均值;

\bar{y}_{ij} —— y_{ij} 的平均值。

c) 指标i信息量的计算。设 G_i 为指标i的信息量, G_i 值越大, 则指标包含的信息越多,

$$G_i = \sigma_i \sum_{j=1}^m (1 - r_{ij}) \quad (3)$$

式中:

σ_i ——i指标的标准偏差;

d) 指标权重计算。设 w_i 为指标权重,

$$w_i = \frac{G_i}{\sum_{j=1}^m G_i} \quad (4)$$

6.3.5 指标赋分

采用比值法统一筛选获得核心指标的量纲, 主要步骤如下:

对每个最终保留的核心指标进行0-100的连续分值赋分。如果核心指标的参考点均值高于受损点，或者指标随着污染状况的加剧而降低，则按照公式（5）进行计算；如果核心指标的参考点均值低于受损点，或者随着污染状况的加剧而增加，则按照公式（6）进行计算。

$$M_i = 100 \times (m_i - m_{i95\%}) / (m_{i95\%} - m_{i5\%}) \quad (5)$$

$$M_i = 100 \times (m_i - m_{i5\%}) / (m_{i5\%} - m_{i95\%}) \quad (6)$$

式中：

M_i —第*i*个核心指标的得分值；

m_i —第*i*个指标的观测值；

$m_{i5\%}$ —第*i*个指标的5%分位值；

$m_{i95\%}$ —第*i*个指标的95%分位值。

6.3.6 计算完整性指数

微生物完整性指数由核心指标的加权平均值求得，按照公式（7）进行计算。

$$IBI = \sum_i^n (w_i * M_i) \quad (7)$$

式中：

IBI ——微生物完整性指数；

M_i ——第*i*个核心指标得分；

w_i ——第*i*个核心指标权重；

n ——核心指标数量。

6.3.7 健康等级划分

河段微生物完整性指数的赋分要求如下：

a) 在评价河段设置有多个监测点位的指标，采用监测点位代表的河流河长为权重加权平均确定指标最终值。

b) 对整条河流进行健康评价时，按照河段长度比进行加权计算的方法，计算得到河流健康最终评价结果，计算公式如下：

$$R - IBI = \frac{\sum_j^{RS} (IBI_i * L_i)}{\sum_j^{RS} (L_i)} * 100 \quad (8)$$

式中：

$R - IBI$ ——河流微生物完整性指数综合赋分；

IBI_i ——第*i*个评价河段健康综合赋分；

L_i ——第*i*个评价河段的长度；

j ——评价河段数量（个）。

本文件的河流健康分级，根据微生物完整性指数的赋分值确定。采用百分制，以20分为一个等级分位，将微生物完整性指数值从高到低分成五类，分别代表非常健康（80-100分）、健康（60-80分）、亚健康（40-60分）、不健康（40-20分）和病态（20-0分）等级。

表3 河流微生物完整性评价分类表

河流微生物完整性等级	状态	赋分范围
一级	非常健康	$80 \leq R - IBI \leq 100$
二级	健康	$60 \leq R - IBI < 80$

三级	亚健康	$40 \leq R - IBI < 60$
四级	不健康	$20 \leq R - IBI < 40$
五级	病态	$0 \leq R - IBI < 20$

6.3.8 可靠性检验

根据专业知识和评价的目的，依据SL/T 793计算河流健康综合指数；将微生物完整性指数值与之进行相关性分析，检验微生物完整性指数的可靠性。

6.4 基于微生物完整性指数的河流健康评价体系

本文件的河流健康评价指标体系见表4。

表4 基于微生物完整性指数的河流健康评价体系

目标层 (IBI)	指标层 (<i>i</i>)	指标权重 (w_i)
目标河流的 微生物完整性指数	指标1	w_1
	指标2	w_2

	指标n	w_n

7 评价技术应用

7.1 技术准备

依据本文件6.4的评价指标和6.1的调查监测规范，结合河流健康专项评价区域，提出专项调查监测方案和技术细则，形成基于微生物完整性指数的河流健康评价工作大纲。

7.2 调查检测

依据本文件 6.3 的样品采集和检测规范，开展专项调查检测。

7.3 报告编制

7.3.1 基于微生物完整性指数的河流健康评价报告包括下列内容：

a) 河流基本情况。概要说明河流所在流域内的自然地理、水系及历史演变、水文气象及经济社会状况，概要分析水资源及开发利用状况、水环境、水生态等方面的主要特点及存在的主要问题，概要说明河流健康评价过程。

b) 河流健康评价体系构建情况。说明目标河流健康评价体系的基本构建过程；说明评价体系构建的时间、调查勘测方案；说明评价体系构建过程中参考点及其确定依据、候选参数库信息、核心指标筛选过程、指标权重计算方法、评价标准划分方法、完整性指数验证过程；说明依据本文件确定的目标河流健康评价体系的核心指标、指标权重和评价标准。

c) 河流健康专项评价方案。说明目标河流健康状况的专项评价时间和范围；说明评价过程中河流分段评价方案，并说明合理性；说明各评价河段的空间位置与物理参数（包括起始与终止断面经纬度、河长、河宽等）、地形地貌、水文水资源、河流物理形态、水环境及水生态的分区特点；说明各评价河段的微生物多样性、结构组成、压力耐受、生态功能特征。

d) 河流健康专项调查监测。说明专项调查与监测方案，详细说明各评价指标数据来源；以图表结合方式，说明专项监测方案的监测点位、监测河段、监测断面和取样点的布置方案，并说明监测点位的

代表性；说明专项监测频次和监测时间；说明专项监测采用的设备和方法；以图表方式，展示专项监测指标的监测成果；分析各评价指标数据的代表性、准确性、可靠性与客观性。

e) 河流健康专项评价结果。按照本文件目标河流构建形成的评价方法与标准，逐一说明各指标的计算过程与赋分结果，形成监测河段的微生物完整性指数，给出评价河段的健康状况赋分，最终给出河流健康状况赋分，给出健康评价结论。

f) 河流健康问题分析与保护对策。根据各指标及综合赋分情况，说明河流健康整体特征、不健康的主要表征；开展定期评价的河流，结合前期评价结果，说明变化趋势；开展环境压力-指标响应关系解析，分析河流不健康的主要压力，给出持续改进意见，给出河流健康保护及修复目标建议方案。

7.3.2 基于微生物完整性指数的河流健康评价报告还包括下列专题图：

a) 河流水系图，同时包括水资源分区、水功能区划、行政区划、重要水利工程布置等信息。

b) 河流健康专题监测方案图，包括评价河段及监测点位的位置图，监测断面及采样点分布图等。

7.3.3 基于微生物完整性指数的河流健康评价报告还包括评价河段、监测点位、样方信息、调查表、生物物种名录及其照片等的附表。

附录 A

(规范性)
河流微生物信息记录表

A.1 给出了河流微生物现场采样登记表

表A.1 河流微生物现场采样登记表

河流名称:	地点:	
站位#	河段长度	水深:
经纬度: E__N__	河道:	
采集日期:	时间:	
调查人:	批次编号:	
制表人:	调查目的:	
栖息地类型	<input type="checkbox"/> 卵石____% <input type="checkbox"/> 树木残干____% <input type="checkbox"/> 河岸____% <input type="checkbox"/> 砂砾____% <input type="checkbox"/> 大型沉水植物____% <input type="checkbox"/> 其它 () ____%	
样品采集	采样设备 _____ 采样方式 <input type="checkbox"/> 涉水 <input type="checkbox"/> 岸边 <input type="checkbox"/> 船上 采样方法 <input type="checkbox"/> 天然基质法 (<input type="checkbox"/> 复合栖息地采样法 <input type="checkbox"/> 单一栖息地采样法) <input type="checkbox"/> 人工基质法 如果采用天然基质法—复合栖息地采样法, 则每种栖息地采集样本数量: <input type="checkbox"/> 卵石____% <input type="checkbox"/> 树木残干____% <input type="checkbox"/> 河岸____% <input type="checkbox"/> 砂砾____% <input type="checkbox"/> 大型沉水植物____% <input type="checkbox"/> 其它 () ____% 如果采用天然基质法—单一栖息地采样法/人工基质法, 则采样面积为: _____cm ²	
备注		

A.2 给出了河流微生物样品数据统计表

表A.2 河流微生物样品数据统计表

河流名称 _____ 断面名称 _____ 样品编号 _____ 采集时间 _____ 基质类型 _____

序号	门	纲	目	科	属	种			相对丰度					
						中文名	拉丁名	确定性	断面1	断面2	断面3	断面4	断面5	断面6
1														
2														
3														
4														
5														
6														
7														
8														
9														
10														

鉴定人 _____ 复核人 _____ 审核人 _____

附录 B

(资料性)

河流微生物完整性指数候选指标库

B.1 给出了河流微生物完整性指数候选指标表

表B.1河流常见微生物完整性指数备选指标表

指标类型	指标编号	备选指标	备注
群落多样性指标	A1	总分类单元数	表征监测点位中群落的物种数、丰富度
	A2	丰富度指数	
	A3	香农多样性指数	
	A4	辛普森多样性指数	
	A5	均匀度指数	
物种组成指标	B1	放线菌门丰度	主要包括界、门、纲、目、科、属不同分类水平上群落中微生物的物种丰度，目前主要考虑优势物种
	B2	拟杆菌门丰度	
	B3	绿菌门丰度	
	B4	蓝细菌门丰度	
	B5	厚壁菌门丰度	
	B6	变形菌门丰度	
	B7	芽孢杆菌纲丰度	
	B8	α 变形菌纲丰度	
	B9	β 变形菌纲丰度	
	B10	γ 变形菌纲丰度	
	B11	δ 变形菌纲丰度	
	B12	放线菌纲丰度	
	B13	拟杆菌纲丰度	
	B14	黄杆菌纲丰度	
	B15	醋酸杆菌属丰度	

B16	伯克氏菌属丰度
B17	甲基杆菌属丰度
B18	念珠蓝菌属丰度
B19	假交替单胞菌属丰度
B20	梭菌纲丰度
B21	芽孢杆菌目丰度
B22	厌氧绳菌目丰度
B23	假单胞杆菌目丰度
B24	伯克氏菌目丰度
B25	根瘤菌目丰度
B26	黄杆菌目丰度
B27	甲基球菌目丰度
B28	芽单胞菌目丰度
B29	肠杆菌目丰度
B30	绿色细菌目丰度
B31	芽孢杆菌科丰度
B32	厌氧绳菌科丰度
B33	红环菌科丰度
B34	假单胞杆菌科丰度
B35	孢囊杆菌科丰度
B36	丛毛单胞菌科丰度
B37	甲基球菌科丰度
B38	鞘脂单胞菌属丰度
B39	脱硫盒菌科丰度
B40	红细菌科丰度
B41	嗜甲基菌科丰度
B42	外硫红螺旋菌科丰度
B43	醋杆菌科丰度
B44	球菌科丰度
B45	伯克氏菌科丰度

	B46	芽孢杆菌属丰度	
	B47	类芽孢杆菌属丰度	
	B48	硫杆菌属丰度	
	B49	红杆菌属丰度	
	B50	节杆菌属丰度	
	B51	水杆菌属丰度	
	B52	盐厌氧菌属丰度	
	B53	水栖菌属丰度	
	B54	根瘤杆菌属丰度	
	B55	噬甲基菌属丰度	
	B56	假单胞菌属丰度	
	B57	棒状杆菌属丰度	
	耐受性指标	C1	
C2		营养化耐受OTUs比例	
C3		微球菌科丰度	
C4		肠杆菌科丰度	
C5		亚硝酸菌属丰度	
C6		厌氧绳菌属丰度	
C7		分枝杆菌属丰度	
C8		硫化单胞菌属丰度	
C9		硝化螺旋菌属丰度	
C10		梭菌属丰度	
C11		抗镉蜡样芽孢杆菌丰度	
C12		抗汞节杆菌属丰度	
C13		抗锌链霉菌属丰度	
C14		抗铅青霉菌属丰度	
功能性指标	D1	自养生物	反映微生物的自身特征及环境功能的参数，如好氧/兼氧/厌氧，碳、氮、磷等地球化学循环功能基因指标参数，以及影响人体健康功能基因指标
	D2	异养生物	
	D3	无机营养性	
	D4	甲烷氧化菌	

D5	有机营养型
D6	光能营养型
D7	革兰氏阳性
D8	革兰氏阴性
D9	革兰氏阳性：革兰氏阴性比率
D10	氨氧化剂
D11	几丁质降解
D12	氯酚降解
D13	芳香族降解
D14	碳氢化合物
D15	脱卤作用
D16	亚硝酸盐还原剂
D17	硫酸盐还原剂
D18	硫化物氧化剂
D19	木糖醇降解
D20	氮酸酯单氧酶
D21	硝基还原酶
D22	亚硝酸氧化酶副蛋白
D23	一氧化二氮还原酶
D24	NifB
D25	一氧化氮加双氧酶
D26	一氧化氮还原酶
D27	NorF
D28	NorQ
D29	一氧化氮还原酶亚基I
D30	NorD
D31	NorE
D32	一氧化氮合酶
D33	亚硝酸盐还原酶亚基
D34	NirK

附录 C

(资料性)

微生物参考数据库

国家生物信息中心(CNCB)/国家基因组科学数据中心(NGDC)的基因组数据库

<https://bigd.big.ac.cn/gwh/>

国家微生物科学数据中心(NMDC)的微生物宏基因组数据库

<https://gcmeta.wdem.org/>

国家微生物科学数据中心(NMDC)的全球微生物菌种目录数据库

<http://gem.wdem.org/>

中国国家基因库生命大数据平台的微生物数据库

<https://db.cngb.org/datamart/microbe>

美国国立生物技术信息中心(NCBI)的基因银行数据库

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>

美国国立生物技术信息中心(NCBI)的参考序列数据库

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/refseq>

美国国立生物技术信息中心(NCBI)的微生物基因组数据库

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/microbes>

美国国立生物技术信息中心(NCBI)的物种分类数据库

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/taxonomy>

美国能源部联合基因组研究中心(DOEJGI)的微生物基因组数据库

<https://img.jgi.doe.gov/>

美国能源部联合基因组研究中心(DOEJGI)的细菌核糖体RNA基因序列数据库

<http://greengenes.secondgenome.com>

欧洲生物信息研究所(EBI)的核酸数据库

<http://www.ebi.ac.uk/embl/>

欧洲生物信息研究所(EBI)的蛋白数据库

<https://www.uniprot.org/>

斯坦福国际研究所(SRIinternational)的代谢组学数据库

<https://metacyc.org/>

日本京都大学的基因与基因组百科全书

<https://www.genome.jp/kegg/>

日本国立遗传学研究所(NIG)的核酸数据库

<http://www.ddbj.nig.ac.jp>

加拿大麦克马斯特大学的抗性基因数据库

<https://card.mcmaster.ca/>

细菌元数据库BacDive

<https://bacdive.dsmz.de>